



TITLE:

6-6 山形県および周辺地域における ニホンザルの遺伝的多様性に関する研究(X.共同利用研究 2.研究成果)

AUTHOR(S):

千田, 寛子

CITATION:

千田, 寛子. 6-6 山形県および周辺地域におけるニホンザルの遺伝的多様性に関する研究(X.共同利用研究 2.研究成果). 霊長類研究所年報 2008, 38: 97-97

ISSUE DATE:

2008-08-31

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/166538>

RIGHT:

の出産 (61.9%) であったのに対し、後者では 28 個体中 17 個体の出産 (60.7%) であり、有意差は認められなかった。まだ分析は不十分であるが、この結果は現在の体格指数算出方法が個体ごとの栄養状態を反映していない可能性を示唆しており、本研究での「写真計測法による体長」と前胴長との関係を検討し、互換式を得て、写真計測法による体長と体重から「栄養状態を反映した体格指数」の算出式を求める必要がある。なお、2007 年度に体重および体長データを収集できた個体は、34 個体と 26 個体であった。

6-3 南九州のニホンザルにおける繁殖生態の地域差と遺伝的多型の維持機構の関係

早石周平 (琉球大・教育センター)

鹿児島県屋久島に生息するニホンザル集団を対象に、繁殖生態と遺伝的多型の関係を明らかにするために、遺伝子分析試料の採集を開始した。

屋久島では毎年低地でニホンザルが有害捕獲されている。昨年度から関係機関、団体との協力作りをしてきたが、今年度には試料を収集することができた。

採集した試料から DNA 抽出を行い、性別判定を始めている。次年度には多型分析を行い、低地の水平方向の遺伝的交流を明らかにしたい。

関係機関、団体との協力関係を維持し、農作物被害低減と個体群存続のための管理方法開発にも取り組みたい。

6-5 中部地方山岳地域に生息するニホンザルのミトコンドリア DNA 変異

赤座久明 (富山県生活環境文化部)

これまでの共同利用研究で、富山、新潟、長野、岐阜の中部四県の山岳地域に生息するニホンザルの群れから、ミトコンドリア DNA の D ループ第 2 可変域 (412 塩基対) について、6 タイプ (JN17, JN18, JN19, JN60, JN20, JN21) の塩基配列の変異を検出した。

19 年度は、このうち JN18, JN19, JN20, JN21 の 4 タイプの試料について、新たにミトコンドリア DNA の D ループ第 1 可変域 (475 塩基対) を対象に分析し、塩基配列の置換を検索した。分析の結果、JN18 からは 3 タイプ、JN20 からは 4 タイプ、JN21 からは 3 タイプの DNA 変異を検出したが、JN19 から変異は検出されなかった。これら 11 のハプロタイプについて、第 1 可変域と第 2 可変域を合わせた塩基配列 (887 塩基対) の置換を比較して類縁関係を再検討したところ、<JN20>, <JN21>, <JN18+JN19> の 3 つのグループに区別することができた。<JN20> と <JN21> は富山県東部に分布するが、早月川、片貝川、黒部川、小川などの河川流域ごとに、異なるハプロタイプが分布していた。一方、JN18 は富山県滑川市、岐阜県小坂町、八百津町にかけて飛び地的に分布するが、それぞれ異なる 3 つのハプロタイプに細分された。富山県中部に分布する JN19 はこの 3 つのハプロタイプと同程度の変異を示し、同じグループに位置づけられた。

6-6 山形県および周辺地域におけるニホンザルの遺伝的多様性に関する研究

千田寛子 (山形大・院・理工)

本研究は山形県におけるニホンザル保護管理計画に資する基礎的データを得ることを目的として、山形県および周辺地域に生息するニホンザル地域個体群の遺伝学的集団構造について調査を行った。

本研究では、山形県と周辺地域において、有害駆除や学術捕獲等で得られた約 300 個体の DNA サンプルを用いて解析を行った。本研究ではミトコンドリア DNA (mtDNA) 調節領域、常染色体マイクロサテライト 11 遺伝子座、Y 染色体マイクロサテライト 3 遺伝子座を解析に用いた。

mtDNA ハプロタイプの分布には地域性が見られ、調査地域には複数の地域個体群が存在する可能性が示された。ハプロタイプの地域性は、分散する性であるオスのハプロタイプを含めた分布パターンでもほぼ変わらなかった。核 DNA マイクロサテライトの遺伝子頻度にもとづくベイズ解析の結果からも複数の分集団の存在が示され、集団間の遺伝的交流の有無についても把握することができた。また、父系遺伝子がある程度の制限を受けながら gene flow を維持していることも示された。ArcGIS を用いて解析した結果、現在集団を隔てている要因は、盆地の存在や国道などの人間活動による影響が大きいという可能性が示された。

6-8 東西日本で比較したニホンザル各種パラメータの人為的な影響による変容

三谷雅純 (兵庫県立大・自然・環境科学研究所)

現在の日本列島では、二次植生や田畑、住居などの人為的影響によって、ニホンザルの土地利用や生息密度、さらに繁殖行動に変化が表れている。本研究では、ニホンザルの生息する日本列島の環境を植生に応じて東西にわけ、それぞれを代表する地域の環境で人為的な活動の程度とニホンザルの土地利用、生息密度、繁殖行動などの各種パラメータを定量化し、比較を試みる。その時、霊長類研究所ニホンザル野外観察施設に収蔵されている過去の文献や報告書、さらにインターネットで公表されている文献などを参考にした。この処理によって、各植生帯での人間活動と、そのニホンザルの生活への影響の程度を明らかにするものと期待できる。

研究の初年度である平成 19 年度は、東西日本を代表する地域の選定が重要であるが、すでに多くの研究例や実績がある地域は研究の重複となるのでなるべく避け、北関東地域と近畿・中国地方を選んだ。現在は、システムが大きく変わった地理情報システム (GIS) を積極的に利用するため、植生や人間の土地利用と人口、気象などの磁気情報を整備しつつある。

6-9 保護管理を目的としたニホンザルの遺伝学的解析

森光由樹 (兵庫県立大・自然・環境科学研究所・森林動物研究センター)

報告者は、これまで中部山岳地方および関東地方に生息している個体のミトコンドリア DNA の D ループ第 2 可変域、412 塩基対の配列を解読した。その結果 12 のハプロタイプを観察した。今年度は長野県 (北アルプス安曇野・穂高)、および兵庫県 (篠山、神河町) に生息している個体のサンプルを用いてミトコンドリア DNA の D ループ第 1 可変域の分析を実施した。第 2 可変域の分析では北アルプスに生息している個体はすべて JN17 タ